

Exhibit A

Table 7

Lines 251096 - 253839

GAM NAME	GAM RNA	TARGET	TARGET	UTR	TARGET	BS-SEQ	BINDING-SITE	DRAW	GAM
SEQUENCE		REF-ID				(UPPER:GAM;LOWER:TARGET)			POS
=====	=====	=====	=====	===	=====	=====	=====	=====	===
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABCC3	NM_020037.1	3	TACCTGCACTGTC CTGACCATCGCAC	AAA GTGC CACG ---	----- TCA AGT CTACC	--- TAGTGCAGGTA GTCACGTCCAT CCT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABCD4	NM_020326.2	3	CTACCTGCAGCCG AAGTACGCA	AAA GTGCT CATGA ACG	CATAG TGCAGGTAG ACGTCCATC AGCCG		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABL1	NM_007313.1	3	CTGCCTGCACTCC CTGGCCTTG	A AAG TTC G	T GCT CGG - TCCC	CAT- AGTGCAGGTAG TCACGTCCGTC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABL1	NM_007313.1	3	CTGCCTGCACTCC CTGGCCTTGCCCC T	A----- AAG TTC TGCCCCG	T GCT CGG - TCCC	CAT- AGTGCAGGTAG TCACGTCCGTC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ACADVL	NM_000018.1	3	TGCCTGCTCTCAA GAGCACTTACTGC C	A----- AAGTGCTC TTCACGAG CCGTCA	AT- AG TC AAC T	T GCAGGTA CGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ADAT1	NM_012091.2	3	AGGCCTGTAATCC CAGCACTTT	 AAAGTGCT TTTACGA CCCTA	CATAG TGCAGGT ATGTCCG GA	AG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ADAT1	NM_012091.2	3	GGCCTGTAATCCC AGCACTTT	 AAAGTGCT TTTACGA CCCTA	CATAG TGCAGGT ATGTCCG G	A	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	ATGCCTGTAAGCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCGA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	TGCCTGTAAGCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	TGTTTGCACTATA	GCTC	GG	A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGT	ATAGTGCA	TA
					TTTCA	TATCACGT	GT
					----	TT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY6	NM_015270.2	5	CTACCTGCCAGGG	A	T	ATAGT
	AGTGCAGGTAG			CCTTC	AAG	GCTC	GCAGGTAG
					TTC	CGGG	CGTCCATC
					C	-	AC---
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY6	NM_020983.2	3	TACCTGCATCCCC	AA-----	CATA	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTGGTCCTG		AGTGCT	GTGCAGGTA
						TCACGA	TACGTCCAT
						GTCCTGG	CCCC
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY7	NM_001114.1	3	TTACCTGCAGGTA	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			TTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAG	
					TTTTATGG	ACGTCCATT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	ACACCTGTAATTC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCTTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	CACCTGTAATTCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCTTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	CTGCCTCTCTTGA	A	T	TGC
	AGTGCAGGTAG			GCACTTC	AAGTGCTCA	AG	AGGTAG

TTCACGAGT TC TCCGTC
C - TC-

GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B NM_000676.2	3	CTGCCTCTCTTGA A----- T TGC	A
	AGTGCAGGTAG		GCACTTCCCTGG AAGTGCTCA AG AGGTAG	
			TTCACGAGT TC TCCGTC	
			GGTCCC - TC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADSL NM_000026.1	3	TTACCTTAAATTA CA-- GC-	A
	AGTGCAGGTAG		GTACAGCACTTT AAAGTGCT TAGT AGGTAG	
			TTTCACGA ATTA TCCATT	
			CATG AAT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AICDA NM_020661.1	3	ACGCCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
			TTTCACGA ATGTCCG	
			CCCTA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AICDA NM_020661.1	3	CGCCTGTAATCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
			TTTCACGA ATGTCCG	
			CCCTA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AK1 NM_000476.1	3	ATGCCTGTAATCC CATAG G	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
			TTTCACGA ATGTCCGT	
			CCCTA A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AK1 NM_000476.1	3	TGCCTGTAATCCC CATAG	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
			TTTCACGA ATGTCCGT	
			CCCTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ALDH3A2 NM_000382.1	3	ATGCCTGTAATCC CATAG G	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
			TTTCACGA ATGTCCGT	
			CCCTA A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ALDH3A2 NM_000382.1	3	TGCCTGTAATCCC CATAG	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
			TTTCACGA ATGTCCGT	
			CCCTA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALDH3B1	NM_000694.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALDH3B1	NM_000694.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALDH8A1	NM_022568.2	3	TGCCTATAATCCC	CATAG	C	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TG AGGTA	
						TTTCACGA	AT TCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALPP	NM_001632.2	3	TGTTTGTAATCCC	CATAG	GG	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCA TA	
						TTTCACGA	ATGT GT	
						CCCTA	TT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALX3	NM_006492.1	3	TGCCTGCACTCCC	AAA-----	CAT	A
	AGTGCAGGTAG				AGCATGCCATGCA	GTGCT	AGTGCAGGTA	
						TACGA	TCACGTCCGT	
					ACGTACCG	CCC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALX4	NM_021926.1	3	GGCCTGACCCTCA	CATA	G A	A
	AGTGCAGGTAG				GCACTTT	AAAGTGCT	GT CAGGT	
						TTTCACGA	CA GTCCG	
						CTCC	- G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ALX4	NM_021926.1	3	GGCCTGACCCTC	CATA	G AG	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	GT CAGGT	
						TTTCACGA	CA GTCCG	
						CTCC	- GG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	APOL1	NM_003661.2	3	ATGCCGTGAATCC	ATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTTT	AAAGTGCTC	TGCAGGTA	
						TTTCACGAG	ATGTCCGT	
						CCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	APOL1	NM_145343.1	3	TGCCTGTAATCCG	ATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCTC	TGCAGGTA	
						TTTCACGAG	ATGTCCGT	
						CCTA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT APP	NM_000484.1	3	ATCCCTGTTTCATT	C	--	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			GTAAGCACTTT	AAAGTGCT	ATAGTG	CAGG	
					TTTCACGA	TGTTAC	GTCC	
					A	TT	CTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT APP	NM_000484.1	3	TCCCTGTTTCATTG	C	--	TA	A
	AGTGCAGGTAG			TAAGCACTTT	AAAGTGCT	ATAGTG	CAGG	
					TTTCACGA	TGTTAC	GTCC	
					A	TT	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AQP6	NM_053286.1	5	CTGCCACTGCACT	CAT	--		A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	AGTGCA	GGTAG	
					TTTCACGA	TCACGT	CCGTC	
					T--	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF6	NM_004840.1	3	TACCTGCAAGCCT	A--	CATAG---		A
	AGTGCAGGTAG			CTTAGTACTTAAT	AAGTGCT		TGCAGGTA	
					TTCATGA		ACGTCCAT	
				TAA		TTCTCCGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7	NM_003899.2	3	ATACCTGCAGAGA	A	---	ATAG	G
	AGTGCAGGTAG			TACACTTC	AAGTG	CTC	TGCAGGTA	
					TTCAC	GAG	ACGTCCAT	
					C	ATA	----	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7	NM_003899.2	3	TATCCTGTAGATG	-	G-	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			TGAAGCACTTT	AAAGTGCT	CATA	TGCAGG	
					TTTCACGA	GTGT	ATGTCC	
					A	AG	TAT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7	NM_145735.1	3	TCCTCTGCGTCAG		ATAG-	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			GGAGCACTTT	AAAGTGCTC		TGCAGG	
					TTTCACGAG		GCGTCT	
					GGACT		CCT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASB1	NM_016114.3	3	CTCCCTGCACTCT	T	T	T	T
	AGTGCAGGTAG			GGCTCTTT	AAAG	GC	CA	AGTGCAGG
					TTTC	CG	GT	TCACGTCC
					T	-	C	C
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASB1	NM_016114.3	3	TTTCCGCCTAAGC		CA	T	A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	TAG	GC	GG

					TTTCACGA	ATC	CG	CC	
					--	-	-	TTT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASTN	XM_045113.2	3	ATGCCAGGCGCTG	--	-	A-	G	A
	AGTGCAGGTAG			ATGTAAGCACTTT	AAAGTGCT	CAT	AGTGC	GGTA	
					TTTCACGA	GTA	TCGCG	CCGT	
					AT	G	GA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATF5	NM_012068.2	3	ATGCTTGTAATCC	CATAG		G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTTTCGT		
					CCCTA		A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATF5	NM_012068.2	3	TGCTTGTAATCCC	CATAG				A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTTTCGT		
					CCCTA				
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATM	NM_000051.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG		AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGT		
					TTTCACGA		ATGTCCG		
					CCCTA		CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATM	NM_000051.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG		A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGT		
					TTTCACGA		ATGTCCG		
					CCCTA		C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATP1A2	NM_000702.1	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG		G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTCCGT		
					CCCTA		A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATP1A2	NM_000702.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG				A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTCCGT		
					CCCTA				
GAM3298	AAAGTGCTCAT B3GALT5	NM_006057.1	3	CCACTGCCCCAGG	ATAGT		GTA		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTC		GCAG		
					TTTCACGAG		CGTC		
					GACCC		ACC		

GAM3298	AAAGTGCTCAT BCAS1	NM_003657.1	3	CGCCTGTAATCTC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CTCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCAS1	NM_003657.1	3	TCGCCTGTAATCT	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CTCTA	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL11B	NM_022898.1	3	CTACCTGCAGATC	AA -	ATAG---	A
	AGTGCAGGTAG			CAGGGGCTGCTGT	AGT GCTC	TGCAGGTAG	
					TCG CGGG	ACGTCCATC	
					TG T	GACCTAG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L10	NM_020396.2	3	CTACCTGCCCAAC	AA GC-	---	A
	AGTGCAGGTAG			TGTGACCAACTAA	AGT TCATAGT	GCAGGTAG	
					TCA AGTGTC	CGTCCATC	
					AA ACC	ACC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L10	NM_020396.2	3	CTACCTGCCCAAC	AA- GC-	---	A
	AGTGCAGGTAG			TGTGACCAACTAA	AGT TCATAGT	GCAGGTAG	
				A	TCA AGTGTC	CGTCCATC	
					AAA ACC	ACC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L2	NM_004050.2	3	CTGCCTGTGGTCC	AA	TAGT-	A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACTGA	AGTGCTCA	GCAGGTAG	
					TCACGAGT	TGTCCGTC	
					AG	CCTGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L2	NM_004050.2	3	CTGCCTGTGGTCC	AA-----	TAGT-	A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACTGATCA	AGTGCTCA	GCAGGTAG	
				GC	TCACGAGT	TGTCCGTC	
					CGACTAG	CCTGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BHMT2	NM_017614.3	3	ACACCTGCAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ACGTCCA	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BHMT2	NM_017614.3	3	CACCTGCAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ACGTCCA	
					CCCTA	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT BIG1 AGTGCAGGTAG	NM_006421.2	3	CTTCCTGCACTGT TTTCTTT	TGCTC AAAG TTTC TTT--	T ATAGTGCAGG AG TGTCACGTCC TC T	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BRCA1 AGTGCAGGTAG	NM_007299.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BRCA1 AGTGCAGGTAG	NM_007301.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BSCL2 AGTGCAGGTAG	NM_032667.2	3	CTCCTCACATTCC AGCACTTT	CATA- AAAGTGCT TTTCACGA CCTTA	C T GTG AGG AG CAC TCC TC - -	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BTK AGTGCAGGTAG	NM_000061.1	5	CTACCTGCATTAA GTCAGGACTGAGC A	AAAG TGCTCA ACGAGT ----- CAGGACTGA	----- TAGTGCAGGTA ATTACGTCCAT	A	
				G C				
GAM3298	AAAGTGCTCAT Clorf6 AGTGCAGGTAG	NM_020131.1	3	CTATTCTGGTTCA TTCAGCACTTT	CAT AAAGTGCT TTTCACGA C--	--- AGTG TTAC TTG	- CAGG TAG GTCT ATC T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT C21orf5 AGTGCAGGTAG	NM_005128.1	3	ACACCTGTAATCT CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CTCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT C21orf5 AGTGCAGGTAG	NM_005128.1	3	CACCTGTAATCTC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	A TGCAGGT ATGTCCA	A	

						CTCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CARD4	NM_006092.1	3	CTTCCTTCTCAGC ACTTT	CAT TGC T AAAGTGCT AG AGG AG TTTCACGA TC TCC TC C-- T-- T		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CARKL	NM_013276.1	3	CCGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CC		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CARKL	NM_013276.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CASP2	NM_032984.1	3	TTACCTGCACACC GAGTCACGGA	AAA - ATA GTG CTC GTGCAGGTAG CAC GAG CACGTCCATT AGG T CCA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CASP6	NM_032992.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CASP6	NM_032992.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CCBP2	NM_001296.2	5	CTGCCTCTCTGCA AAGTTGAGCACTA C	AA TAG- ---- AGTGCTCA TGCA GGTAG TCACGAGT ACGT CCGTC CA TGAA CTCT		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	CCBP2	NM_001296.2	5	CTGCCTCTCTGCA AAGTTGAGCACTA CAGGAC	AA----- TAG- ---- AGTGCTCA TGCA GGT TCACGAGT ACGT CCG CAGGACA TGAA CTCT		A

TC

GAM3298	AAAGTGCTCAT CCNK AGTGCAGGTAG	XM_085179.4	3	GTCCTGCACTGGG TTACTTT	CT A AAAGTG C TAGTGCAGG TTTCAT G GTCACGTCC TG - TG	TA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD28 AGTGCAGGTAG	NM_006139.1	3	ATGCTTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTTTCGT CCCTA A	G A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD28 AGTGCAGGTAG	NM_006139.1	3	TGCTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTTTCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD2AP AGTGCAGGTAG	NM_012120.1	3	TTGCTTGCACTAT AGGAGTCATAAA	AAA - -- GTG CTC ATAGTGCAGGTAG TAC GAG TATCACGTTTCGTT AAA T GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD2AP AGTGCAGGTAG	NM_012120.1	3	TTGCTTGCACTAT AGGAGTCATAAAA G	AAA-- - -- GTG CTC ATAGTGCAGGTAG TAC GAG TATCACGTTTCGTT GAAAA T GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD68 AGTGCAGGTAG	NM_001251.1	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	G A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD68 AGTGCAGGTAG	NM_001251.1	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD74 AGTGCAGGTAG	NM_004355.1	3	TTACCTGCAGGCT GAGCCACTCT	AA - TAG AGTG CTCA TGCAGGTAG TCAC GAGT ACGTCCATT TC C CGG	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT CD74	NM_004355.1	3	TTACCTGCAGGCT AA---- - TAG	A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCACTCTCTT AGTG CTCA TGCAGGTAG	
				C TCAC GAGT ACGTCCATT	
				CTTCTC C CGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CFL2	NM_021914.4	3	ACACTATGCATTA CA - AG	A
	AGTGCAGGTAG			AAAGCACTTT AAAGTGCT TAGTGCA GGT	
				TTTCACGA ATTACGT TCA	
				AA A CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CFL2	NM_021914.4	3	CACTATGCATTAA CA - A	A
	AGTGCAGGTAG			AAGCACTTT AAAGTGCT TAGTGCA GGT	
				TTTCACGA ATTACGT TCA	
				AA A C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CIAS1	NM_004895.2	3	TTAGCTCATTCAA CAT--- C G	A
	AGTGCAGGTAG			TAAAGCACTTT AAAGTGCT AGTG AG TAG	
				TTTCACGA TTAC TC ATT	
				AATAAC - G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CLTCL1	NM_001835.1	3	CTACCTGCAGAGT AA----- - ATAG	A
	AGTGCAGGTAG			TACTAACTTCTCC AGTG CTC TGCAGGTA	
				A TCAT GAG ACGTCCAT	
				ACCTCTTCAA T ----	
				G	
				C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CLTCL1	NM_007098.1	3	CTACCTGCAGAGT AA - ATAG	A
	AGTGCAGGTAG			TACTAA AGTG CTC TGCAGGTAG	
				TCAT GAG ACGTCCATC	
				AA T ----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT COG4	NM_015386.1	3	CTGCCTGGATGAG AAA AGTG	A
	AGTGCAGGTAG			CACACC GTGCTCAT CAGGTAG	
				CACGAGTA GTCCGTC	
				CCA G---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT COG7	NM_153603.1	3	ACGCCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCCG	
				CCCTA CA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT COG7 AGTGCAGGTAG	NM_153603.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COPA AGTGCAGGTAG	NM_004371.2	3	ATACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCAT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COPA AGTGCAGGTAG	NM_004371.2	3	TACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA ATGTCCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COX10 AGTGCAGGTAG	NM_001303.2	3	TTACCTGCAGCTT TTTAGTCCTTT	TG CAT- - AAAG CT AG TTTC GA TC CT TTTT G	TGCAGGTAG ACGTCCATT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRACC AGTGCAGGTAG	NM_021181.3	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRACC AGTGCAGGTAG	NM_021181.3	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CREB1 AGTGCAGGTAG	NM_004379.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CREB1 AGTGCAGGTAG	NM_004379.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRSP9 AGTGCAGGTAG	NM_004270.3	3	TCCCTGCACTAAG AAGAATCACTTT	C---- A AAAGTG TC	TA TAGTGCAGG	A

					TTTCAC	AG	ATCAGTCC	
					TAAGA	A	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CUBN	NM_001081.2	3	CCCCCTGTATTCT	CAT	TAG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	AGTGCAGG		
					TTTCACGA	TTATGTCC		
					CTC	CCC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT CX3CR1	NM_001337.2	3	TTACGATGGCACC	A	A--	AG--	A
	AGTGCAGGTAG			CAGTGAGCACTCC	A	AGTGCTCAT	GTGC GTAG	
					C	TCACGAGTG	CACG CATT	
					C	ACC	GTAG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYBB	NM_000397.2	3	CTATGGTTTTGAG	A	T	AG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTC	TAG GC	GTAG	
					TTTCACGAG	GTT TG	TATC	
					A	T	G-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYP4F3	NM_000896.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYP4F3	NM_000896.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT DAPP1	NM_014395.1	3	CTACTAATAATAG	A	A	GTGCA	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTG	AAGTGCTC	TA	GGTAG	
					TTCACGAG	AT	TCATC	
					G	-	AATAA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT	NM_001918.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCTA-	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT	NM_001918.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT AGTGCAGGTAG	NM_001918.1	3	CGCCTGTAATCCA GCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCTA-	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT AGTGCAGGTAG	NM_001918.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DCLRE1C AGTGCAGGTAG	NM_022487.1	3	ACACTTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTTCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DCLRE1C AGTGCAGGTAG	NM_022487.1	3	CACTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTTCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDOST AGTGCAGGTAG	NM_005216.2	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDOST AGTGCAGGTAG	NM_005216.2	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA ATGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDX9 AGTGCAGGTAG	NM_030588.1	5	CTACCTGCTTTCC AGAGCCTTT	T ATAGT- AAAG GCTC TTTC CGAG - ACCTTT	GCAGGTAG CGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DMC1 AGTGCAGGTAG	NM_007068.2	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DMC1 AGTGCAGGTAG	NM_007068.2	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT DNAJB9	NM_012328.1	3	CTACCTGCCCTTG AA -- T T	A
	AGTGCAGGTAG			GGCTCACTAA AGT GCTCA AG GCAGGTAG	
				TCA CGGGT TC CGTCCATC	
				AA CT - C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNAJB9	NM_012328.1	3	CTACCTGCCCTTG AA---- -- T T	A
	AGTGCAGGTAG			GGCTCACTAATAT AGT GCTCA AG GCAGGTAG	
				C TCA CGGGT TC CGTCCATC	
				CTATAA CT - C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNASE2	NM_001375.1	3	ACATCTGTAACCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCTA	
				CCCCA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNASE2	NM_001375.1	3	CATCTGTAACCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCTA	
				CCCCA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DVL3	NM_004423.2	3	ACGTCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCTG	
				CCCTA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DVL3	NM_004423.2	3	CGTCTGTAATCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCTG	
				CCCTA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EGFL5	XM_098838.2	3	ACGCCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCCG	
				CCCTA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EGFL5	XM_098838.2	3	CGCCTGTAATCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTCACGA ATGTCCG	
				CCCTA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EHHADH	NM_001966.1	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	

						TTCACGA	ATGTCCA		
						CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT EHHADH NM_001966.1	3	CACCTGTAATCCC		CATAG	A		A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT				
				TTCACGA	ATGTCCA				
					CCCTA	C			
GAM3298	AAAGTGCTCAT EIF2C1 NM_012199.2	3	ATACTTAAGGCAC	A	T	---	G	A	
	AGTGCAGGTAG		TATGGCACTTA	AAGTGC	CATAGTGC	AGGTA			
				TTCACG	GTATCAG	TTCAT			
				A	-	GAA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT EIF2C1 NM_012199.2	3	TACTTAAGGCACT	A-----	T	---		A	
	AGTGCAGGTAG		ATGGCACTTAGCT		AAGTGC	CATAGTGC	AGGTA		
			TTG		TTCACG	GTATCAG	TTCAT		
				GTTTCGA	-	GAA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT EPB41L2 NM_001431.1	3	CTACCTGCTTTTA	C-	AGT--			A	
	AGTGCAGGTAG		ATGACTCACTTT	AAAGTG	TCAT	GCAGGTAG			
				TTTCAC	AGTA	CGTCCATC			
				TC	ATTTT				
GAM3298	AAAGTGCTCAT ERBB3 NM_001982.1	3	ATGCCTGTAATCT		CATAG	G		A	
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA				
				TTCACGA	ATGTCCGT				
					CTCTA	A			
GAM3298	AAAGTGCTCAT ERBB3 NM_001982.1	3	TGCCTGTAATCTC		CATAG			A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA				
				TTCACGA	ATGTCCGT				
					CTCTA				
GAM3298	AAAGTGCTCAT EVA1 NM_005797.2	3	CTCCTTCCTAAAG	A-	TGC	T		A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCTC	TAG	AGG	AG		
				TTCACGAG	ATC	TCC	TC		
				AA	CT-	-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2R NM_001992.2	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG		A	
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT				
				TTCACGA	ATGTCCG				
					CCCTA	CA			

GAM3298	AAAGTGCTCAT F2R AGTGCAGGTAG	NM_001992.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	ACACCTGCAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ACGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	CACCTGCAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ACGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FADD AGTGCAGGTAG	NM_003824.2	3	CTTCCTCACTATG AA ACACTGA	C AGTG TCATAGTG TCAC AGTATCAC AG -	T AGG AG TCC TC T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCA AGTGCAGGTAG	NM_000135.1	3	CTGCCTGCACTGG AAA AACCCACAGA	CTCA- GTG CAC AGA	TAGTGCAGGTAG GTCACGTCCGTC CCAAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCC AGTGCAGGTAG	NM_000136.1	3	ACACCTGTGATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT GTGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCC AGTGCAGGTAG	NM_000136.1	3	CACCTGTGATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT GTGTCCA C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	ATGCTTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTTCGT	
					TCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	TGCTTGTAATCCT	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTTCGT	
					TCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR1	NM_023108.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR1	NM_023108.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR2	NM_022973.1	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR2	NM_022973.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGR	NM_005248.1	5	TGCCTGTATGAGC	AAA-----	-----	A
	AGTGCAGGTAG			GTATGAGCATGTG	GTGCTCATA	GTGCAGGT	

				CATGC		TACGAGTAT	TATGTCCG	
						CGTACGTG	GCGAG	
						A		
						T		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FKRP	NM_024301.1	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FKRP	NM_024301.1	3	CGCCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FLG	XM_048104.1	5	CTACCAGGTGAGC	A	AGTGCA		A
	AGTGCAGGTAG			ACTCA	A AGTGCTCAT	GGTAG		
					A TCACGAGTG	CCATC		
					C	GA----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FLRT2	NM_013231.2	3	CTACCTGCACACC	AAA	ATA-----		A
	AGTGCAGGTAG			CACCAGAAGAGCA	GTGCTC	GTGCAGGTAG		
				C	CACGAG	CACGTCCATC		
					---	AAGACCACCCA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FMR2	NM_002025.1	3	ATCCCTGCAGCTG	CA---	-	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			AACCCAGCACTTT	AAAGTGCT	TAG TGCAGG		
					TTTCACGA	GTC ACGTCC		
					CCCAA	G	CTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FOXI1	NM_144769.1	3	TTACCTGCAGACA	A	C	ATAG	A
	AGTGCAGGTAG			CTCC	A AGTG TC	TGCAGGTAG		
					C TCAC AG	ACGTCCATT		
					C	-	----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FRDA	NM_000144.3	3	CACCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FRDA	NM_181425.1	3	ACACCTGTAATCC		CATAG	AG	A

	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUS1	NM_007275.1	3	AGCCCTGCTAGAG	CA	-----	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			GCTACAGCACTTT	AAAGTGCT	TAGT	GCAGG	
					TTTCACGA	ATCG	CGTCC	
					C-	GAGAT	CGA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT3	NM_000149.1	3	ACGCCTGTAATTC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCTTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT3	NM_000149.1	3	CGCCTGTAATTCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCTTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT6	NM_000150.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT6	NM_000150.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FXD6	NM_022003.1	3	GGACCTGGGAAGG	-	TAGTG---	AG	A
	AGTGCAGGTAG			TTTGCAGCACTTT	AAAGTGCT	CA	CAGGT	
					TTTCACGA	GT	GTCCA	
					C	TTGGAAGG	GG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT G2A	NM_013345.2	3	ACGCCTGTCATCC	CATA	-	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	GTG	CAGGT	
					TTTCACGA	TAC	GTCCG	
					CCC-	T	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT G2A	NM_013345.2	3	CGCCTGTCATCCC	CATA	-	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	GTG	CAGGT	
					TTTCACGA	TAC	GTCCG	
					CCC-	T	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT GABPB1	NM_016654.1	3	GATTTCCACATGA	--	A	C	A	A
	AGTGCAGGTAG			AAGCACTTT	AAAGTGC	TCAT	GTG	AGGT	
					TTTCACG	AGTA	CAC	TTTA	
					AA	-	C	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT GALNT7	NM_054110.2	3	ATGCCTGTAATTC	CATAG		G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTCCGT		
					CCTTA		A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GALNT7	NM_054110.2	3	TGCCTGTAATTCC	CATAG				A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGTA		
					TTTCACGA		ATGTCCGT		
					CCTTA				
GAM3298	AAAGTGCTCAT GGCX	NM_000821.2	3	TTACCTGCATTAT	AA	CTC			A
	AGTGCAGGTAG			TACATTAG	AGTG	ATAGTGCAGGTAG			
					TTAC	TATTACGTCCATT			
					GA	AT-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT GGCX	NM_000821.2	3	TTACCTGCATTAT	AA-----	CTC			A
	AGTGCAGGTAG			TACATTAGGCTGA		AGTG	ATAGTGCAGGTAG		
				G		TTAC	TATTACGTCCATT		
					GAGTCGGA	AT-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT GLO1	NM_006708.1	3	GTGCTTGACTGC	- A--		G		A
	AGTGCAGGTAG			TAGAAGCACTTT	AAAGTGCT	C	TAGTGCAGGTA		
					TTTCACGA	G	GTCATGTTCGT		
					A	ATC	G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GLO1	NM_006708.1	3	TGCTTGACTGCT	- A--				A
	AGTGCAGGTAG			AGAAGCACTTT	AAAGTGCT	C	TAGTGCAGGTA		
					TTTCACGA	G	GTCATGTTCGT		
					A	ATC			
GAM3298	AAAGTGCTCAT GNE	NM_005476.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG		AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGT		
					TTTCACGA		ATGTCCG		
					CCCTA		CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GNE	NM_005476.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG		A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT		TGCAGGT		

						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT GP1BA	NM_000173.1	3	TTATCAGGATGTG	A	GTGCA		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTCG	A	AGTGCTCATA	GGTAG	
					G	TCACGAGTGT	CTATT	
					C	AGGA-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR1	NM_005279.1	3	ACACCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR1	NM_005279.1	3	CACCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR6	NM_005284.2	3	CTGCTTAATTATA	C	GC		A
	AGTGCAGGTAG			GCACCTT	AAAGTGCT	ATAGT	AGGTAG	
					TTTCACGA	TATTA	TTGTC	
					-	A-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPRK7	NM_139209.1	3	ATGCCTGCAATTC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ACGTCCGT		
					CCTTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPRK7	NM_139209.1	3	TGCCTGCAATTCC		CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ACGTCCGT		
					CCTTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT GRM6	NM_000843.2	3	ACACCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT GRM6	NM_000843.2	3	CACCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		

GAM3298	AAAGTGCTCAT GYG AGTGCAGGTAG	NM_004130.2	3	TTACCTGCAGTGG AAA T AG CACCTT GTGC CAT TGCAGGTAG CACG GTG ACGTCCATT TCC - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HADHSC AGTGCAGGTAG	NM_005327.1	3	CTACCTGCAGCTT A T T - TGAGTCTTG AAG GCTCA AG TGCAGGTAG TTC TGAGT TC ACGTCCATC G - T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HADHSC AGTGCAGGTAG	NM_005327.1	3	CTACCTGCAGCTT A----- T T - TGAGTCTTGCCCT AAG GCTCA AG TGCAGGTAG A TTC TGAGT TC ACGTCCATC ATCCCG - T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HIP1 AGTGCAGGTAG	NM_005338.3	3	ACGCTGTAAATCC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HIP1 AGTGCAGGTAG	NM_005338.3	3	CGCCTGTAAATCCC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HLCS AGTGCAGGTAG	NM_000411.3	3	CTACCTGCTATAG AAA C GT CACACT GTGCT ATA GCAGGTAG CACGA TAT CGTCCATC TCA - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HLCS AGTGCAGGTAG	NM_000411.3	3	CTACCTGCTATAG AAA----- C GT CACACTCTCCGAT GTGCT ATA GCAGGTAG T CACGA TAT CGTCCATC TTAGCCTCTCA - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HM13 AGTGCAGGTAG	NM_178582.1	3	ATGCTGTAAATCC CATAG G CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HM13 AGTGCAGGTAG	NM_178582.1	3	TGCCTGTAAATCCC CATAG AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT HPRT1	NM_000194.1	3	TTATTTGCACTAT AA T		A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCTAT AG GTCATAGTGCAGGTAG		
				TC CGAGTATCACGTTTATT		
				TA -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HPRT1	NM_000194.1	3	TTATTTGCACTAT AA----- T		A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCTATAGACT AG GTCATAGTGCAGGTAG		
				A TC CGAGTATCACGTTTATT		
				ATCAGATA -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HSD17B2	NM_002153.1	5	AGCAAGTCACTGA ---- - AG A		A
	AGTGCAGGTAG			GAATGAGCACTTT AAAGTGCTCAT AGTG C GT		
				TTCACGAGTA TCAC G CG		
				AGAG T AA A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HUNK	NM_014586.1	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTCACGA ATGTCCA		
				CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HUNK	NM_014586.1	3	CACCTGTAATCCC CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTCACGA ATGTCCA		
				CCCTA C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFIT4	NM_001549.2	3	ATGCCTGTAATCC CATAG G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA		
				TTCACGA ATGTCCGT		
				CCCTA A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFIT4	NM_001549.2	3	TGCCTGTAATCCC CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA		
				TTCACGA ATGTCCGT		
				CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFNAR1	NM_000629.1	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTCACGA ATGTCCA		
				CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFNAR1	NM_000629.1	3	CACCTGTAATCCC CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT		

						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL10	NM_000572.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL10	NM_000572.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL12RB2	NM_001559.2	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL12RB2	NM_001559.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL6R	NM_181359.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						TCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	IL6R	NM_181359.1	3	CGCCTGTAATCCT	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						TCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	INPP5B	XM_300739.1	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	INPP5B	XM_300739.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	ACGCCTGTAGTCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTG	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	CGCCTGTAGTCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTG	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	TGCCTATAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	C TG AGGTA AT TCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK1 AGTGCAGGTAG	NM_001569.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK1 AGTGCAGGTAG	NM_001569.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK4 AGTGCAGGTAG	NM_016123.1	3	ATACCTGTAAATC CCAGCACTTT	CATAG- AAAGTGCT TTTCACGA CCCTAA	G TGCAGGTA ATGTCCAT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK4 AGTGCAGGTAG	NM_016123.1	3	TACCTGTAAATCC CAGCACTTT	CATAG- AAAGTGCT TTTCACGA CCCTAA	TGCAGGTA ATGTCCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITGAL AGTGCAGGTAG	NM_002209.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITGAL AGTGCAGGTAG	NM_002209.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT ITK AGTGCAGGTAG	NM_005546.3	3	CTACTCTGGCTTG A AGCACTTC TTCACGAGT TCG GTC CATC C - - T	T G - AAGTGCTCA AGT CAG GTAG TTCACGAGT TCG GTC CATC - - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITK AGTGCAGGTAG	NM_005546.3	3	CTACTCTGGCTTG A----- AGCACTTCTATAT TATATC	T G - AAGTGCTCA AGT CAG GTAG TTCACGAGT TCG GTC CATC - - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITPKB AGTGCAGGTAG	NM_002221.1	3	GAAGTGCACTACA AGACACTTT TTCAC GA ATCACGTC A AC AAG	- CA GTA AAAGTG CT TAGTGCA TTCAC GA ATCACGTC A AC AAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITS2 AGTGCAGGTAG	NM_147152.1	3	CTATCCTTATTCG AGTAGCACTTT TTTCACGA TGAGC	CAT-- C - AAAGTGCT AGTG AGG TAG TTAT TCC ATC - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT JPH2 AGTGCAGGTAG	NM_020433.3	5	CTGCCTGCACTCA GTTCTCA A AG GCT AGTGCAGGTAG A TC TGA TCACGTCCGTC C T C--	A T CAT A AG GCT AGTGCAGGTAG A TC TGA TCACGTCCGTC C T C--	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KAI1 AGTGCAGGTAG	NM_002231.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT TTTCACGA CCCTA	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KAI1 AGTGCAGGTAG	NM_002231.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT TTTCACGA CCCTA	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNA7 AGTGCAGGTAG	NM_031886.2	3	ATGCCTGTAACCC CAGCACTTT TTTCACGA CCCCA	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA ATGTCCG A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNA7 AGTGCAGGTAG	NM_031886.2	3	TGCCTGTAACCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA	A

					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCCA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNMA1	NM_002247.2	3	CTTGCTGTGTGAA	-----	GT	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			TTGACAAGCACTT	AAAGTGC	TCATA	GCAGG	
				T	TTTCACG	AGTGT	CGTTC	
					AACAGTTA	GT	---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNS2	XM_043106.3	3	CTACCTGCTAATT	A	T-	TAGT---	A
	AGTGCAGGTAG			CTTGCCGCATTTC	AAGTGC	CA	GCAGGTAG	
					TTTACG	GT	CGTCCATC	
				C	CC	TCTTAAT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF1B	NM_015074.1	3	CTCCTTGTCAGC	CATAGT	T		A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GCAGG	AG	
					TTTCACGA	TGTTC	TC	
					CC----	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF3B	NM_004798.2	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					TCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF3B	NM_004798.2	3	TGCCTGTAATCCT	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					TCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIR2DL3	NM_014511.1	3	CTCCTGCCCATGA	AAA	AGT	T	A
	AGTGCAGGTAG			GCACCAC	GTGCTCAT	GCAGG	AG	
					CACGAGTA	CGTCC	TC	
				CAC	CC-	-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KRTHB6	NM_002284.2	3	CTGCCTGCACTCT	AA	CAT		A
	AGTGCAGGTAG			AAGCGCTCT	AGTGCT	AGTGCAGGTAG		
					TCGCGA	TCACGTCCGTC		
				TC	ATC			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KRTHB6	NM_002284.2	3	CTGCCTGCACTCT	AA-----	CAT		A
	AGTGCAGGTAG			AAGCGCTCTCCCC	AGTGCT	AGTGCAGGTAG		
				A	TCGCGA	TCACGTCCGTC		
					ACCCCTC	ATC		

GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMC2 AGTGCAGGTAG	NM_018891.1	3	ACGCCTGTAATTC TAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCTTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMC2 AGTGCAGGTAG	NM_018891.1	3	CGCCTGTAATTCT AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCTTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMP2 AGTGCAGGTAG	NM_013995.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMP2 AGTGCAGGTAG	NM_013995.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LDLR AGTGCAGGTAG	NM_000527.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LDLR AGTGCAGGTAG	NM_000527.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LEP AGTGCAGGTAG	NM_000230.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LEP AGTGCAGGTAG	NM_000230.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LGTN AGTGCAGGTAG	NM_006893.1	3	GGCTGGTAATTTT TATGAGCATTTT	---- AAAGTGCTCATAG TTTACGAGTATT TTTA	A A TGC GGT ATG TCG G G	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT LHX2 AGTGCAGGTAG	NM_004789.3	3	CTACCTGCAACAC A AACATTG TTTAC G AACACA-	CTCATAG AAGTG TGCAGGTAG ACGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LHX2 AGTGCAGGTAG	NM_004789.3	3	CTACCTGCAACAC A----- AACATTGTGTCA C CACTGTG	CTCATAG AAGTG TGCAGGTAG TTTAC ACGTCCATC AACACA-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIF AGTGCAGGTAG	NM_002309.2	3	TCCCTGTCGCTCT CTAAGCACTTT	CAT-- - TA AAAGTGCT AGTG CAGG TTTCACGA TCGC GTCC ATCTC T CT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LILRB1 AGTGCAGGTAG	NM_006669.2	3	ACGCCTGTAATTC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCTTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LILRB1 AGTGCAGGTAG	NM_006669.2	3	CGCCTGTAATTCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCTTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIMD1 AGTGCAGGTAG	NM_014240.1	3	CTACCTGCCTCCT GCGTGTATTTT	TCA T-- AAAGTGC TAG GCAGGTAG TTTTATG GTC CGTCCATC TGC CTC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIMK1 AGTGCAGGTAG	NM_016735.1	3	CTGCCCCGCACCA TGGACTTT	G T A A- AAAGT C CAT GTGC GGTAG TTTCA G GTA CACG CCGTC - - C CC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LRRC2 AGTGCAGGTAG	NM_024750.2	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LRRC2 AGTGCAGGTAG	NM_024750.2	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT	A

						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LUZP1	NM_033631.1	3	ACACCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT LUZP1	NM_033631.1	3	CACCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAFF	NM_012323.2	3	CATCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCTA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAFF	NM_152878.1	3	ACATCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCTA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAGEA4	NM_002362.3	5	TTGCCTGCACTCT	AA T	TCAT		A
	AGTGCAGGTAG			TGCCTGC	AG GC	AGTGCAGGTAG		
					TC CG	TCACGTCCGTT		
					CG -	TTC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP3K8	NM_005204.2	5	GACACTGCACTGA		TA	- A	A
	AGTGCAGGTAG			GCACTTT	AAAGTGCTCA	GTGCAG GT		
					TTTCACGAGT	CACGTC CA		
					--	A G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP3K8	NM_005204.2	5	TGACACTGCACTG		TA	- AG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTCA	GTGCAG GT		
					TTTCACGAGT	CACGTC CA		
					--	A GT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP4K5	NM_006575.2	3	AAACTGCACTATG	GC-	GTA		A
	AGTGCAGGTAG			ATTTGCTTT	AAAGT	TCATAGTGCAG		
					TTTCG	AGTATCACGTC		
					TTT	AAA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT MAPK9 AGTGCAGGTAG	NM_139069.1	3	GACTTGCCCATCT AGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA TCTACC	A GCAGGT CGTTCA G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAPK9 AGTGCAGGTAG	NM_139069.1	3	GGACTTGCCCATC TAGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA TCTACC	AG GCAGGT CGTTCA GG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MCM4 AGTGCAGGTAG	XM_030274.6	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MCM4 AGTGCAGGTAG	XM_030274.6	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MECP2 AGTGCAGGTAG	NM_004992.2	3	TTATTTGCACTAT TGAGTCTTC	A T - AAG GCTCA TTC TGAGT C - T	TAGTGCAGGTAG ATCACGTTTATT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MECP2 AGTGCAGGTAG	NM_004992.2	3	TTATTTGCACTAT TGAGTCTTCATGT T	A----- T - AAG GCTCA TTC TGAGT TTGTAC - T	TAGTGCAGGTAG ATCACGTTTATT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	NM_178176.2	3	GTGCCTGTGATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA GTGTCCGT G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	NM_178176.2	3	TGCCTGTGATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA GTGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	XM_294343.2	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCGT A	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	XM_294343.2	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MICA AGTGCAGGTAG	NM_000247.1	3	CTGCCTGGATCTC ACGAGCACTTT	AT- - G AAAGTGCTC AG T CAGGTAG TTTCACGAG TC A GTCCGTC CAC T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MICB AGTGCAGGTAG	NM_005931.2	3	CTGCCTGGATCTC ACCAGCACTTT	CATA-- G AAAGTGCT GT CAGGTAG TTTCACGA TA GTCCGTC CCACTC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MNT AGTGCAGGTAG	NM_020310.1	3	CTGCTGCACTAGG A ACTTG	G CAT G AAGT CT AGTGCAG TAG TTCA GA TCACGTC GTC G G --- -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MOG AGTGCAGGTAG	NM_002433.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MOG AGTGCAGGTAG	NM_002433.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MRE11A AGTGCAGGTAG	NM_005591.2	3	CTGCCTCATATAG CACTTT	C G C AAAGTGCT ATA TG AGGTAG TTTCACGA TAT AC TCCGTC - - -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MSH3 AGTGCAGGTAG	NM_002439.1	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MSH3 AGTGCAGGTAG	NM_002439.1	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA	A

					TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MTNR1A	NM_005958.2	3	ACACCTGTAATCT	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CTCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MTNR1A	NM_005958.2	3	CACCTGTAATCTC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CTCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MVP	NM_017458.2	5	CTACCTGCACCTC	A - CAT			A
	AGTGCAGGTAG			TAGATGCTCC	A AGTG CT	AGTGCAGGTAG		
					C TCGT GA	TCACGTCCATC		
					C A TCT			
GAM3298	AAAGTGCTCAT MYH9	NM_002473.2	3	CACCTGCACAGGT	CATA	A		A
	AGTGCAGGTAG			ATTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT		
					TTTTATGG	CACGTCCA		
					A---	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MYH9	NM_002473.2	3	CCACCTGCACAGG	CATA	AG		A
	AGTGCAGGTAG			TATTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT		
					TTTTATGG	CACGTCCA		
					A---	CC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT NCOA3	NM_006534.1	3	CTACCAGAACTAA	CA	GCA		A
	AGTGCAGGTAG			GCACCTT	AAAGTGCT	TAGT GGTAG		
					TTTCACGA	ATCA CCATC		
					--	AGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT NDRG2	NM_016250.1	3	TTGGCTGCACTAA	GCTCA	G		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGT	TAGTGCAG TAG		
					TTTCA	ATCACGTC GTT		
					-----	G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT NEDD4L	NM_015277.2	3	TACCTGCACAGTT	TGC	TA--		A
	AGTGCAGGTAG			TGATTCTTT	AAAG	TCA GTGCAGGTA		
					TTTC	AGT CACGTCCAT		
					TT-	TTGA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT NFATC3 AGTGCAGGTAG	NM_173164.1	3	ACGCCTGTATCCC AGCACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA CCC-	AG GTGCAGGT TATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NFATC3 AGTGCAGGTAG	NM_173164.1	3	CGCCTGTATCCCA GCACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA CCC-	A GTGCAGGT TATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NKTR AGTGCAGGTAG	NM_005385.2	3	ATACCTGCACTGT CTCTGAGGACTTA	A G ---- AAGT CTCA TTCA GAGT A G CTCT	G TAGTGCAGGTA GTCACGTCCAT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NKTR AGTGCAGGTAG	NM_005385.2	3	TACCTGCACTGTC TCTGAGGACTTAC	A- G ---- AAGT CTCA TTCA GAGT CA G CTCT		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NQ01 AGTGCAGGTAG	NM_000903.1	3	CTACCTGCCTAAG GGACTTA	A G A T AAGT CTC TAG TTCA GGG ATC A - A -	GCAGGTAG CGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NQ01 AGTGCAGGTAG	NM_000903.1	3	CTACCTGCCTAAG GGACTTAACTTGT T	A----- G A T AAGT CTC TAG TTCA GGG ATC TTGTTCAA - A -	GCAGGTAG CGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NR4A2 AGTGCAGGTAG	NM_006186.2	3	CTCCCTGGAATA ACTGAGCACTTT	-- GTG- T AAAGTGCTCA TA TTTCACGAGT AT CA AAAG C	CAGG AG GTCC TC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NT5C2 AGTGCAGGTAG	NM_012229.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT NT5C2 AGTGCAGGTAG	NM_012229.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT NXF5	NM_033152.1	5	ATGCCGTATATGT	----	G	A	G	A
	AGTGCAGGTAG			AGTAGCACTTT	AAAGTGCT	CATA	TGC	GGTA	
					TTCACGA	GTAT	ATG	CCGT	
					TGAT	-	-	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT OPTN	NM_021980.2	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG		G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA			
					TTCACGA	ATGTCCGT			
					CCCTA		A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT OPTN	NM_021980.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG				A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA			
					TTCACGA	ATGTCCGT			
					CCCTA				
GAM3298	AAAGTGCTCAT P2RX7	NM_002562.3	3	ACACCTGTAATCC	CATAG		AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			
					TTCACGA	ATGTCCA			
					CCCTA		CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT P2RX7	NM_002562.3	3	CACCTGTAATCCC	CATAG		A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			
					TTCACGA	ATGTCCA			
					CCCTA		C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X	NM_032967.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG		AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			
					TTCACGA	ATGTCCA			
					CCCTA		CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X	NM_032967.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG		AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			
					TTCACGA	ATGTCCG			
					CCCTA		CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X	NM_032967.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG		A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			
					TTCACGA	ATGTCCA			
					CCCTA		C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X	NM_032967.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG		A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT			

					TTCACGA	ATGTCGG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032971.1	3	TACCTGTAATCCC		CATAG		A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTCACGA	ATGTCCAT		
					CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	ACGCCTGTAATTC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
				TTCACGA	ATGTCCG		
					CCTTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	ATACCTGTAATCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTCACGA	ATGTCCAT		
					CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	CGCCTGTAATTCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
				TTCACGA	ATGTCCG		
					CCTTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA1 NM_031411.1	3	GTATCTGTACAGC		CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTCACGA	CATGTCTAT		
				----		G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA1 NM_031411.1	3	TATCTGTACAGCA		CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTCACGA	CATGTCTAT		

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA10 NM_018901.2	3	GTATCTGTACAGC		CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTCACGA	CATGTCTAT		
				----		G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA10 NM_018901.2	3	TATCTGTACAGCA		CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTCACGA	CATGTCTAT		

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA11	NM_018902.3	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA11	NM_018902.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA12	NM_018903.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA12	NM_018903.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA13	NM_018904.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA13	NM_018904.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA2	NM_018905.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA2	NM_018905.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA3	NM_018906.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA3	NM_018906.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA4	NM_018907.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	
					----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA4	NM_018907.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA5	NM_018908.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	
					----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA5	NM_018908.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA6	NM_018909.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA6	NM_031849.1	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	
					----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA7	NM_018910.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
					TTCACGA	CATGTCTAT	
					----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA7	NM_018910.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	

						TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA8	NM_018911.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA8	NM_018911.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA9	NM_031857.1	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHA9	NM_031857.1	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC1	NM_018898.3	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC1	NM_018898.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC2	NM_018899.3	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC2	NM_018899.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTCACGA	CATGTCTAT	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHB9 NM_019119.3	3	ATTCCTGTAATCC	CATAG	TAG	A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGG	
				TTTCACGA	ATGTCC	
				CCCTA	TTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHB9 NM_019119.3	3	TTCCTGTAATCCC	CATAG	TA	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGG	
				TTTCACGA	ATGTCC	
				CCCTA	TT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_018912.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_018913.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG 0		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_032092.1	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG 1		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_003735.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG 2		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA2 NM_018915.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA3 NM_018916.3	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA4 NM_018917.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG	
				A TC CGG	CACGTCCATT	
				C -	ACC-	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA5 NM_018918.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA6 NM_018919.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA7 NM_018920.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA8 NM_032088.1	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA9 NM_018921.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB1 NM_018922.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB2 NM_018923.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB3 NM_018924.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	
				A	TC	CGG CACGTCCATT	
				C	-	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB4 NM_003736.2	3	TTACCTGCACCCA	A	T	CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A	AG	GCT GTGCAGGTAG	

					A TC CGG	CACGTCCATT	
					C -	ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB5 NM_018925.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB6 NM_018926.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB7 NM_018927.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC3 NM_002588.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC4 NM_018928.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC5 NM_018929.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C -	ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PDE7A NM_002604.1	3	ATACTTGTAACCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTTCACGA	ATGTTTAT		
				CCCA-		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PDL2 NM_025239.2	3	ATGCCTTTGGATG	----	AGTGC	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACCCAGCACTTT	AAAGTGC	TCAT	AGGTA	
				TTTCACG	AGTA	TCCGT	
				ACCC	GGTT-	A	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PIK3R2 NM_005027.1 3	ATGCCTGTAATCC CATAG G A
	AGTGCAGGTAG	CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA
		TTTCACGA ATGTCCGT
		CCCTA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PIK3R2 NM_005027.1 3	TGCCTGTAATCCC CATAG A
	AGTGCAGGTAG	AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA
		TTTCACGA ATGTCCGT
		CCCTA
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKD1 NM_000296.1 3	CTGTCTGTCTGTG ----- T GT A
	AGTGCAGGTAG	GGCTTCAGCACTT AAAGTGCT CATAG GCAG AG
		T TTTCACGA GTGTC TGTC TC
		CTTCGG - TG
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1 NM_138694.2 3	AACATACACTATA C CAG A A
	AGTGCAGGTAG	GCACCTTT AAAGTGCT ATAGTG GT
		TTTCACGA TATCAC CA
		- ATA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1 NM_138694.2 3	CAACATACACTAT C CAG AG A
	AGTGCAGGTAG	AGCACTTT AAAGTGCT ATAGTG GT
		TTTCACGA TATCAC CA
		- ATA AC
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1 NM_138694.2 3	TTACCTGCACATG TGCT A A
	AGTGCAGGTAG	CTTTCTTT AAAG CAT GTGCAGGTAG
		TTTC GTA CACGTCCATT
		TTTC -
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2G4B NM_005090.1 3	CTACCTTGAGTAG A ATAG --- A
	AGTGCAGGTAG	TTGGAGCACTTG AAGTGCTC TGC AGGTAG
		TTCACGAG ATG TCCATC
		G GTTG AGT
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2G4B NM_005090.1 3	CTACCTTGAGTAG A----- ATAG --- A
	AGTGCAGGTAG	TTGGAGCACTTGA AAGTGCTC TGC AGGTAG
		TACA TTTCACGAG ATG TCCATC
		ACATAG GTTG AGT
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2R1 NM_007366.2 3	TTACCTGCACTCG AAA TCAT A
	AGTGCAGGTAG	TACCAT GTGC AGTGCAGGTAG
		CATG TCACGTCCATT
		TAC C---

GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAC1 AGTGCAGGTAG	NM_021796.1	3	GACCCCTCATGTGA GCACCTTT	G CA A AAAGTGCTCATA TG GGT TTTCACGAGTGT AC CCA - TC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAC1 AGTGCAGGTAG	NM_021796.1	3	TGACCCCTCATGTG AGCACCTTT	G CA AG AAAGTGCTCATA TG GGT TTTCACGAGTGT AC CCA - TC GT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAG1 AGTGCAGGTAG	NM_002655.1	3	TTACAAGATATAG CACTTT	C GTGCAG AAAGTGCT ATA GTAG TTTCACGA TAT CATT - AGAA--	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PMM2 AGTGCAGGTAG	NM_000303.1	3	CTGCCCTGCACTC CTGCCCTCC	A T TCAT - A AG GC AGTGCAGG TAG C TC CG TCACGTCC GTC C - TCC- C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLH AGTGCAGGTAG	NM_006502.1	3	ATACCTGTAATGC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCAT CCGTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLH AGTGCAGGTAG	NM_006502.1	3	TACCTGTAATGCC AGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCAT CCGTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLQ AGTGCAGGTAG	NM_006596.2	3	AATATGCACTTAG CACTTT	CAT GGTA AAAGTGCT AGTGCA TTTCACGA TCACGT T-- ATAA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PP AGTGCAGGTAG	NM_021129.2	5	CTCCGGCACTATG A----- AGCGGCTTCAGCA	- A T AAGT GCTCATAGTGC GG AG TTCG CGAGTATCACG CC TC ACGAC G G -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PPGb AGTGCAGGTAG	NM_000308.1	3	CAGCCTGGGGGCA AGTTAGCACTTT	CATAG ---- AG AAAGTGCT TGC AGGT	A

					TTTCACGA	ACG	TCCG	
					TTGA-	GGGG	AC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PPP1R3A	NM_002711.1	3	CTGCCTGCACTCT	AAA	-----	T
	AGTGCAGGTAG				GTCTCTCCAAGTA	GTGCT	CA	AGTGCAGGTAG
					C	CATGA	GT	TCACGTCGTC
					---	ACCTCTCT	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PPP6C	NM_002721.3	3	ATACTTTTATTG		TAGTGC	G
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCTCA	AGGTA	
						TTTCACGAGT	TTCAT	
						TATTT-	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PPP6C	NM_002721.3	3	TACTTTTATTGA		TAGTGC	
	AGTGCAGGTAG				GCACTTT	AAAGTGCTCA	AGGTA	
						TTTCACGAGT	TTCAT	
						TATTT-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PRKY	NM_002760.1	3	ATGCCTGCAATCC		CATAG	G
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ACGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PRKY	NM_002760.1	3	TGCCTGCAATCCC		CATAG	
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ACGTCCGT	
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PRND	NM_012409.1	3	CTGCCTCCCAGGC		CAT	GC---
	AGTGCAGGTAG				TCAAGCACTTT	AAAGTGCT	AGT	AGGTAG
						TTTCACGA	TCG	TCCGTC
						AC-	GACCC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PRPS1	NM_002764.2	3	CTACCTGCATTAT	AA	CTC	
	AGTGCAGGTAG				CTCATTCT	AGTG	ATAGTGCAGGTAG	
						TTAC	TATTACGTCCATC	
					TC	TC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PRPS1	NM_002764.2	3	CTACCTGCATTAT	AA-----	CTC	
	AGTGCAGGTAG				CTCATTCTGGCTT	AGTG	ATAGTGCAGGTAG	
					C	TTAC	TATTACGTCCATC	
						CTTCGGTC	TC-	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PRX AGTGCAGGTAG	NM_020956.1	3	GACCTGCCAGGAG A----- ATAGT A A CACTTGGCCTG AAGTGCTC GCAGGT TTCACGAG CGTCCA GTCCGG GAC-- G
GAM3298	AAAGTGCTCAT PSEN1 AGTGCAGGTAG	NM_000021.2	3	CACCTTGCACTAT G C - A A TGGACTTT AAAGT CT ATAGTGCA GGT TTTCA GG TATCACGT CCA - T T C
GAM3298	AAAGTGCTCAT PSEN1 AGTGCAGGTAG	NM_000021.2	3	CCACCTTGCACTA G C - AG A TTGGACTTT AAAGT CT ATAGTGCA GGT TTTCA GG TATCACGT CCA - T T CC
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTAFR AGTGCAGGTAG	NM_000952.2	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG A CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTAFR AGTGCAGGTAG	NM_000952.2	3	CACCTGTAATCCC CATAG A A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGIS AGTGCAGGTAG	NM_000961.2	3	CTACCTGCTATGC AA TCATAGT A GCTAG AGTGC GCAGGTAG TCGCG CGTCCATC GA TAT----
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGIS AGTGCAGGTAG	NM_000961.2	3	TTGCCTGTAATCC CATAG A CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTAG TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGS2 AGTGCAGGTAG	NM_000963.1	3	CTACCTGCATGCT T- TCATA A GTTCTTT AAAG GC GTGCAGGTAG TTTC TG TACGTCCATC CT TCG--
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTK2B AGTGCAGGTAG	NM_173176.1	5	CTACCTGCCCGGC A -- CATAGT A CGACTTA AAGT GCT GCAGGTAG TTCA CGG CGTCCATC A GC CC----

GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	PTPN12	NM_002835.2	3	CTACCTGCCTTAT A CTC- T ACTACACTTA AAGTG ATAG GCAGGTAG TTCAC TATT CGTCCATC A ATCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	PTPN12	NM_002835.2	3	CTACCTGCCTTAT A----- CTC- T ACTACACTTAGGA AAGTG ATAG GCAGGTAG A TTCAC TATT CGTCCATC AAGGA ATCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	PTPN7	NM_002832.2	3	CTACCTGAGAGAA AAA----- AGTG- TGAGCACCCCTCA GTGCTCAT CAGGTAG TC CACGAGTA GTCCATC CTACTCCC AGAGA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	PTPN7	NM_080588.1	3	CTACCTGAGAGAA AAA AGTG- TGAGCACCCC GTGCTCAT CAGGTAG CACGAGTA GTCCATC CCC AGAGA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	PXF	NM_002857.1	3	CTACCTGCAAGGT A A ----- AG GAAGGAAGGCATC A GTGC TCAT TGCAGGTAG C C TACG AGTG ACGTCCATC - C GAAGGA GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	RAB3B	NM_002867.2	3	ACGCCTGTAATCC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	RAB3B	NM_002867.2	3	CGCCTGTAATCCC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	RAB7L1	NM_003929.1	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	RAB7L1	NM_003929.1	3	CACCTGTAATCCC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	A

					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAD52	NM_134424.1	3	CCCACTGCAGTTA	----	-	GTAG	A
	AGTGCAGGTAG			GAGCTGAGCACTT	AAAGTGCTCA	TAG	TGCAG	
				T	TTTCACGAGT	ATT	ACGTC	
					CGAG	G	ACCC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBBP5	NM_005057.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBBP5	NM_005057.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBL1	NM_002895.1	3	TTCTTGTTTCTAT	-----	T-	TA	A
	AGTGCAGGTAG			GATAAAAGCACTT	AAAGTGC	TCATAG	GCAGG	
				T	TTTCACG	AGTATC	TGTTC	
					AAAAAT	TT	TT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBL2	NM_005611.2	3	TTGCTGTATATTT	--	---	GTA	A
	AGTGCAGGTAG			GTGATAGCACTTT	AAAGTGC	TCATA	GTGCAG	
					TTTCACG	AGTGT	TATGTC	
					AT	TTA	GTT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RECQL5	NM_004259.2	3	ATACCTGTTATAC	CATAGT	G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	GCAGGTA		
					TTTCACGA	TGTCCAT		
					CCATAT	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RECQL5	NM_004259.2	3	TACCTGTTATACC	CATAGT			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	GCAGGTA		
					TTTCACGA	TGTCCAT		
					CCATAT			
GAM3298	AAAGTGCTCAT RNASEL	NM_021133.2	3	ATACCTAGCACTT	CATAGTGC	G		A
	AGTGCAGGTAG			T	AAAGTGCT	AGGTA		
					TTTCACGA	TCCAT		
					-----	A		

GAM3298	AAAGTGCTCAT RNH	NM_002939.2	3	TTATAATCATTAA	CA	CAG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TAGTG GTAG	
					TTTCACGA	ATTAC TATT	
					A-	TAA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ROCK2	NM_004850.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					TCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ROCK2	NM_004850.2	3	CGCCTGTAATCCT	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					TCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RPS6KA5	NM_004755.1	3	AAACTTATGCAGA	ATAG	-- AG	A
	AGTGCAGGTAG			GCACTTT	AAAGTGCTC	TGCA GGT	
					TTTCACGAG	ACGT TCA	
					----	AT AA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RTKN	NM_033046.1	3	CTCCCTGCACTAA	GCTCA	T	A
	AGTGCAGGTAG			CCAGCTTT	AAAGT	TAGTGCAGG AG	
					TTTCG	ATCACGTCC TC	
					ACCA-	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RUNX3	NM_004350.1	3	CTGCTTTGCACTA	A -- TC	-	A
	AGTGCAGGTAG			TCGTTTGCTTG	AAGT GC	ATAGTGCAG GTAG	
					TTTCG TG	TATCACGTT CGTC	
					G TT C-	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SCN2B	NM_004588.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SCN2B	NM_004588.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SECTM1	NM_003004.1	3	TACCTGTCCCTTG	--	-----	G A
	AGTGCAGGTAG			GCTATGAGCAGGC	AAAGT	GCTCATAGT GCAGGTA	
				TTT	TTTCG	CGAGTATCG TGTCAT	
					GA	GTTCCC	-

GAM3298	AAAGTGCTCAT SEMA3F NM_004186.2	3	CTACCTGCTGGAC	A T CATAGT		A
	AGTGCAGGTAG		AGCCTCC	A AG GCT GCAGGTAG		
				C TC CGA CGTCCATC		
				C - CAGGT-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SFRP1 NM_003012.2	3	AGAGCTGCACTAT	T --- GTAG		A
	AGTGCAGGTAG		CACGAGCCTTT	AAAG GCTC ATAGTGCAG		
				TTTC CGAG TATCACGTC		
				- CAC GAGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SFRP1 NM_003012.2	3	GAGCTGCACTATC	T --- GTA		A
	AGTGCAGGTAG		ACGAGCCTTT	AAAG GCTC ATAGTGCAG		
				TTTC CGAG TATCACGTC		
				- CAC GAG		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIGLEC1 NM_052884.1	3	ACGCCTGTGGTCT	CATAGT AG		A
	AGTGCAGGTAG 1		CAGCACTTT	AAAGTGCT GCAGGT		
				TTTCACGA TGTCCG		
				CTCTGG CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIGLEC1 NM_052884.1	3	CGCCTGTGGTCTC	CATAGT A		A
	AGTGCAGGTAG 1		AGCACTTT	AAAGTGCT GCAGGT		
				TTTCACGA TGTCCG		
				CTCTGG C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIM2 NM_009586.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTTCACGA ATGTCCA		
				CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIM2 NM_009586.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTTCACGA ATGTCCA		
				CCCTA C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SLC14A1 NM_015865.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
				TTTCACGA ATGTCCG		
				CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SLC14A1 NM_015865.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		

					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC14A2	NM_007163.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT
						TTTCACGA	ATGTCCG
						CCCTA	CA
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC14A2	NM_007163.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT
						TTTCACGA	ATGTCCG
						CCCTA	C
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC17A5	NM_012434.2	3	ATGCCTGTAGTCC	CATAG	G
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA
						TTTCACGA	ATGTCCGT
						CCCTG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC17A5	NM_012434.2	3	TGCCTGTAGTCCC	CATAG	
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA
						TTTCACGA	ATGTCCGT
						CCCTG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC21A2	NM_005630.1	3	TTACCTGCATGCA	AAA	CATA
	AGTGCAGGTAG				GGCACCAG	GTGCT	GTGCAGGTAG
						CACGG	TACGTCCATT
					GAC	ACG-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC26A4	NM_000441.1	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA
						TTTCACGA	ATGTCCGT
						CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC26A4	NM_000441.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG	
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA
						TTTCACGA	ATGTCCGT
						CCCTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A3	NM_006931.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT
						TTTCACGA	ATGTCCG
						CCCTA	CA

GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A3	NM_006931.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A6	NM_017585.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A6	NM_017585.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC31A1	NM_001859.1	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC31A1	NM_001859.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMARCD2	NM_003077.2	3	GTATTGCACTAT	AG	-----	G
	AGTGCAGGTAG				TTGGGAGCAAGT	AA	TGCTC	ATAGTGCAGGTA
					T	TT	ACGAG	TATCACGTTTAT
						GA	GGTTT	G
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMARCD2	NM_003077.2	3	TATTTGCACTATT	AG	-----	A
	AGTGCAGGTAG				TTGGGAGCAAGT	AA	TGCTC	ATAGTGCAGGTA
						TT	ACGAG	TATCACGTTTAT
						GA	GGTTT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMG1	NM_014006.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMG1	NM_015092.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT SMURF1 XM_166483.2 3	CTACCTGCGTGTG AAA -- G	A
	AGTGCAGGTAG	GGTTTGCCGC GT GCTCATA TGCAGGTAG	
		CG TGGGTGT GCGTCCATC	
		CGC TT -	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SNB2 NM_130845.1 3	CTGCTTGATGAG AAAG AGT	A
	AGTGCAGGTAG	CAACAA TGCTCAT GCAGGTAG	
		ACGAGTA TGTTCGTC	
		AACA ---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SOCS5 NM_144949.1 3	CTACCTGCTGTTA A CT TAGT	A
	AGTGCAGGTAG	CTTA AAGTG CA GCAGGTAG	
		TTCAT GT CGTCCATC	
		A T- ----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SORCS1 NM_052918.2 3	CTACCTGCATTTT AA GCTCAT-	A
	AGTGCAGGTAG	AATTAACTAT AGT AGTGCAGGTAG	
		TCA TTACGTCCATC	
		TA ATTAACT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPAG1 NM_003114.3 3	GGTCTGCACTATA CTC- A	A
	AGTGCAGGTAG	AAACATTTT AAAGTG ATAGTGCAGGT	
		TTTTAC TATCAGTCTG	
		AAAA G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPAG1 NM_172218.1 3	TGGTCTGCACTAT CTC- AG	A
	AGTGCAGGTAG	AAAACATTTT AAAGTG ATAGTGCAGGT	
		TTTTAC TATCAGTCTG	
		AAAA GT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPG3A NM_015915.2 3	AATCTTATTTTTA CAT- C A	A
	AGTGCAGGTAG	AGCACTTT AAAGTGCT AGTG AGGT	
		TTTCACGA TTAT TCTA	
		ATTT - A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPTLC1 NM_178324.1 3	ATGCCTGTAATCC CATAG G	A
	AGTGCAGGTAG	CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
		TTTCACGA ATGTCCGT	
		CCCTA A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPTLC1 NM_178324.1 3	TGCCTGTAATCCC CATAG	A
	AGTGCAGGTAG	AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	

						TTTCACGA	ATGTCCGT		
							CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAT3	NM_139276.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
							CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAT3	NM_139276.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
							CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAU	NM_017453.1	5	TTACCTGCATTTG	CT	T		A
	AGTGCAGGTAG				TTCACTTT	AAAGTG	CA AGTGCAGGTAG		
						TTTCAC	GT TTACGTCCATT		
						TT	-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAU2	NM_014393.1	3	CTACCTGCAGCTA	AAAG	-----	-	A
	AGTGCAGGTAG				AGCAGTGAGCAGA	TGCTCAT	AG	TGCAGGTAG	
					A	ACGAGTG	TC	ACGTCCATC	
						AAG-	ACGAA	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUDD	NM_003831.2	3	AAACCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCA		
							CCCTA	AA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUDD	NM_145906.1	3	AACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCA		
							CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SULT1C1	NM_001056.2	5	CTACCTGCTGAGC	AAA	TAGT		A
	AGTGCAGGTAG				GCCCC	GTGCTCA	GCAGGTAG		
						CGCGAGT	CGTCCATC		
						CCC	----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SULT2A1	NM_003167.2	3	TGTCCTGTAATCCC	CATAG	GT		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAG	A	
						TTTCACGA	ATGTC	T	
							CCCTA	TG	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	ACACCTGTGATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	GTGTCCA	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	CACCTGTGATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	GTGTCCA	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	TACCAAGCAAGGG	ATAG-----	A- G	A
	AGTGCAGGTAG				GAATGGAGCACTT	AAAGTGCTC	TGC GGTA	
					T	TTTCACGAG	ACG CCAT	
						GTAAGGGGA	AA -	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SWAP70	XM_049197.5	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SWAP70	XM_049197.5	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TBXAS1	NM_001061.2	5	CTACCTGCAGAGC	AAA	ATAG	A
	AGTGCAGGTAG				ACGGT	GTGCTC	TGCAGGTAG	
						CACGAG	ACGTCCATC	
					TGG	----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TBXAS1	NM_030984.1	5	CTACCTGCAGAGC	AAA-----	ATAG	A
	AGTGCAGGTAG				ACGGTCCCATAA		GTGCTC TGCAGGTA	
					G		CACGAG ACGTCCAT	
						GAATACCCTTGG	----	
					G			
					C			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TCF7	NM_003202.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT TCF7 AGTGCAGGTAG	NM_003202.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	GTGCCTGTACTCC CAGCACTTT	CAT G AAAGTGCT AGTGCAGGTA TTTCACGA TCATGTCCGT CCC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	TGCCTGTACTCCC AGCACTTT	CAT AAAGTGCT AGTGCAGGTA TTTCACGA TCATGTCCGT CCC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEP1 AGTGCAGGTAG	NM_007110.3	3	ACGCTTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEP1 AGTGCAGGTAG	NM_007110.3	3	CGCTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEX15 AGTGCAGGTAG	NM_031271.2	3	ATATTGGCAATGA AGCACTTT	- AG AG G AAAGTGCT CAT TGC GTA TTTCACGA GTA ACG TAT A -- GT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEX15 AGTGCAGGTAG	NM_031271.2	3	TATTGGCAATGAA GCACTTT	- AG AG AAAGTGCT CAT TGC GTA	A

					TTTCACGA	GTA	ACG	TAT	
					A	--	GT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TGFB1	NM_000660.1	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						TCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TGFB1	NM_000660.1	3	CGCCTGTAATCCT		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						TCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFAIP1	NM_021137.3	3	CTGCCTTGCCCCT	A	TAGT	-	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTTC	AAGTGCTCA	GCA	GGTAG	
						TTCACGAGT	CGT	CCGTC	
					C	CCC-	T		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFAIP1	NM_021137.3	3	CTGCCTTGCCCCT	A-----	TAGT	-	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTTCTGGA	AAGTGCTCA	GCA	GGTAG	
					G	TTCACGAGT	CGT	CCGTC	
					GAGGTC	CCC-	T		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003844.2	3	ATGCCTGTAATCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG	0A			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003844.2	3	TGCCTGTAATCCC		CATAG		A
	AGTGCAGGTAG	0A			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003840.2	3	ATGCCTGTAATCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG	0D			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003840.2	3	TGCCTGTAATCCC		CATAG		A
	AGTGCAGGTAG	0D			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA			

GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFSF14	NM_172014.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFSF14	NM_172014.1	3	TCGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNNT2	NM_000364.1	5	AAACCTGCACTGA	GCTCA	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGT	TAGTGCAGGT	
						TTTCA	GTCACGTCCA	
						-----	AA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TP53	NM_000546.2	3	GGCCTGCACTGGT	TG CAT	A	A
	AGTGCAGGTAG				GTTTT	AAAG CT	AGTGCAGGT	
						TTTT GG	TCACGTCCG	
						GT ---	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRIM8	NM_030912.1	3	CTTCCTGTAGTGA	AG	T	A
	AGTGCAGGTAG				GCACCTT	AAAGTGCTCAT	TGCAGG AG	
						TTTCACGAGTG	ATGTCC TC	
						--	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM1	NM_002420.3	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						TCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM1	NM_002420.3	3	TGCCTGTAATCCT	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						TCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM2	NM_003307.1	3	CTGCCTGGCCACT	AA	TA --	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTGG	AGTGCTCA	GTG CAGGTAG	
						TCACGAGT	CAC GTCCGTC	
						GG	-- CG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM2	NM_003307.1	3	CTGCCTGGCCACT	AA-----	TA --	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTGGCCGA	AGTGCTCA	GTG CAGGTAG	
					G	TCACGAGT	CAC GTCCGTC	
						GAGCCGG	-- CG	

GAM3298	AAAGTGCTCAT TRPS1 AGTGCAGGTAG	NM_014112.1	3	GTACTTGTTTGTA AAGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTCACGA AATGTT	G GCAGGTA TGTCAT G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TRPS1 AGTGCAGGTAG	NM_014112.1	3	TACTTGTTTGTA AGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTCACGA AATGTT	GCAGGTA TGTCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSC2 AGTGCAGGTAG	NM_021056.1	3	CTCCTGCACTGGC CTTG	A T CAT AAG GCT TTC CGG G - - - -	T AGTGCAGG AG TCACGTCC TC -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSLP AGTGCAGGTAG	NM_138551.1	5	TTGCCGCCTATGA GCAGCCA	AAAG TGCTCATAG ACGAGTATC ACCG	T A GC GGTAG CG CCGTT - -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSNAX AGTGCAGGTAG	NM_005999.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSNAX AGTGCAGGTAG	NM_005999.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBB AGTGCAGGTAG	NM_018955.2	3	TTACTCTGCACTA TAGCCATTTG	A - C AAGTG CT TTTAC GA G C -	- ATAGTGCAG GTAG TATCAGTC CATT T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBB AGTGCAGGTAG	NM_018955.2	3	TTACTCTGCACTA TAGCCATTTGCC CA	A----- AAGTG CT TTTAC GA ACCCCG	- C - ATAGTGCAG GTAG TATCAGTC CATT C - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2B AGTGCAGGTAG	NM_003337.1	3	CACCTGTAGTCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT	A TGCAGGT	A

						TTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTG	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2B	NM_003337.1	3	CCACCTGTAGTCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTG	CC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2G2	NM_003343.3	3	ACGCCTGCAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ACGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2G2	NM_003343.3	3	CGCCTGCAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ACGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UPK1B	NM_006952.2	3	ATGCCTGTAATCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UPK1B	NM_006952.2	3	TGCCTGTAATCCC		CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT USP14	NM_005151.2	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT USP14	NM_005151.2	3	CGCCTGTAATCCC		CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL	NM_000551.1	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	ACGCCTGTAATCT CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CTCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	CGCCTGTAATCTC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CTCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA ATGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VSX1 AGTGCAGGTAG	NM_014588.3	3	AATTTGTGATTGA AAGCACTTT	CA AAAGTGCT TTTCACGA AA	- TAGT GCAGGT GTTA TGTTTA G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WEE1 AGTGCAGGTAG	NM_003390.2	3	ATATCCCACTGGG AGCACTTT	A AAAGTGCTC TTTCACGAG G	CA TAGTG GGTA GTCAC CTAT C- A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WEE1 AGTGCAGGTAG	NM_003390.2	3	TATCCCACTGGGA GCACTTT	A AAAGTGCTC TTTCACGAG G	CA TAGTG GGTA GTCAC CTAT C-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WIG1 AGTGCAGGTAG	NM_022470.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT WIG1 AGTGCAGGTAG	NM_022470.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WSX1 AGTGCAGGTAG	NM_004843.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WSX1 AGTGCAGGTAG	NM_004843.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT XRCC2 AGTGCAGGTAG	NM_005431.1	3	ATGCCTGTGATCC TAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA TCCTA	G TGCAGGTA GTGTCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT XRCC2 AGTGCAGGTAG	NM_005431.1	3	TGCCTGTGATCCT AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA TCCTA	TGCAGGTA GTGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF136 AGTGCAGGTAG	NM_003437.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF136 AGTGCAGGTAG	NM_003437.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF137 AGTGCAGGTAG	NM_003438.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF137 AGTGCAGGTAG	NM_003438.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT	A TGCAGGT	A

						TTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF174	NM_003450.1	5	CTACCTGCGACAG	----	CATAG	A
	AGTGCAGGTAG				CTTGAAC TTT	AAAGT	GCT	TGCAGGTAG
						TTTCA	CGA	GCGTCCATC
						AGTT	CA---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF264	NM_003417.1	3	TTACCTGTAATCC		CATAG	A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAG	
						TTCACGA	ATGTCCATT	
						TCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF264	NM_003417.1	3	TTATCAGCAATTT		CATAG	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGC	GGTAG
						TTCACGA	ACG	CTATT
						TTTA-	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF36	XM_168302.2	3	ACGCCTGTAATCC		CATAG	AG
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF36	XM_168302.2	3	CGCCTGTAATCCC		CATAG	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	